Научная статья

УДК 619:576.895.132

https://doi.org/10.31016/1998-8435-2026-20-1-88-96

Молекулярно-генетические особенности изолятов трихинелл Центрального Черноземья

Одоевская Ирина Михайловна [1], Пименов Илья Александрович [2], Ромашов Борис Витальевич [3], Успенский Александр Витальевич [4]

[1, 2, 4] Всероссийский научно-исследовательский институт фундаментальной и прикладной паразитологии животных и растений – филиал Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный научный центр – Всероссийский научно-исследовательский институт экспериментальной ветеринарии имени К. И. Скрябина и Я. Р. Коваленко Российской академии наук» (ВНИИП – фил. ФГБНУ ФНЦ ВИЭВ РАН); Москва, Россия

[3] Федеральное государственное бюджетное учреждение «Воронежский государственный природный биосферный заповедник им. В. М. Пескова» (ФГБУ «Воронежский государственный заповедник»; Воронеж, Россия

[1] odoevskaya@vniigis.ru, https://orcid.org/0000-0002-3644-5592

[2] pimenov@vniigis.ru, https://orcid.org/0009-0001-8712-6073

[3] bvrom@rambler.ru, https://orcid.org/0000-0002-7559-1445

[4] uspenskii@vniigis.ru, https://orcid.org/0000-0001-9115-9890

Аннотация

Цель исследований – изучение таксономической принадлежности и гаплотипического разнообразия изолятов трихинелл, циркулирующих в Воронежском заповеднике и прилегающих территориях Центрального Черноземья, с использованием современных молекулярно-генетических методов и данных международной информационной базы данных (NCBI).

Материалы и методы. В качестве исследуемого материала использовали личинки *Trichinella nativa*, выделенные из замороженной мышечной ткани диких и домашних животных. Материал собран от погибших в Воронежском заповеднике и на сопредельных территориях при проведении регуляционных мероприятий и регламентированной охоты животных, в результате браконьерской охоты и погибших на автодорогах. Также использовали пробы мышечной ткани от диких и домашних хищных млекопитающих с диагностированной инвазией трихинеллами, зафиксированные в 70%-ном этаноле и 10%-ном формалине. Из полученных личинок была выделена нативная ДНК с последующим проведением мультиплексной ПЦР (МТ ПЦР) для первичной видовой идентификации. Образцы нативной ДНК, которые удалось идентифицировать с помощью МТ ПЦР, амплифицировали с праймерами 37F_Tri и 42R_Tri для изучения фрагмента мт-ДНК цитохром-С-оксидазы субъединицы 1 (*cox1*). Полученные ампликоны были секвенированы по Сэнгеру и депонированы в международной базе данных GenBank NCBI.

Результаты и обсуждение. Представленные результаты молекулярно-генетических исследований подтверждают полученные ранее данные о таксономической принадлежности трихинелл – *T. nativa* (Ромашов и др., 2006). Биоинформационный анализ четырех депонированных нуклеотидных последовательностей показал наличие трех однонуклеотидных замен в участке гена *cox1 T. nativa*. Две замены являются синонимичными и не влияют на процесс транскрипции и последующей трансляции, поскольку в обоих случаях кодируется одна и та же аминокислота – валин. Однако, однонуклеотидная замена в позиции 67 у *T. nativa* (проба от рыси обыкновенной, GenBank №PX624076) приводит к кодированию иной аминокислоты – метионина, что может существенно влиять на биосинтез белков, и, как следствие, изменять физиологические свойства паразита.

Ключевые слова: трихинеллез, *Trichinella nativa*, мультиплексная ПЦР, ген *cox1*, однонуклеотидная замена.

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Для цитирования: *Одоевская И. М., Пименов И. А., Ромашов Б. В., Успенский А. В.* Молекулярно-генетические особенности изолятов трихинелл Центрального Черноземья // Российский паразитологический журнал. 2026. Т. 20. № 1. С. 88–96.

https://doi.org/10.31016/1998-8435-2026-20-1-88-96

© Одоевская И. М., Пименов И. А., Ромашов Б. В., Успенский А. В., 2026

Контент доступен под лицензией Creative Commons Attribution 4.0 License.
The content is available under Creative Commons Attribution 4.0 License.

Original article

Molecular and genetic features of trichinella isolates of the Central Chernozem region

Irina M. Odoevskaya [1], Ilya A. Pimenov [2], Boris V. Romashov [3], Alexander V. Uspensky [4]

[1, 2, 4] All-Russian Scientific Research Institute for Fundamental and Applied Parasitology of Animals and Plant – a branch of the Federal State Budget Scientific Institution «Federal Scientific Centre VIEV»; Moscow, Russia

[3] The Federal State Budgetary Institution "Voronezh State Natural Biosphere Reserve named after V. M. Pescov", Voronezh, Russia

[1] odoevskaya@vniigis.ru, https://orcid.org/0000-0002-3644-5592

[2] pimenov@vniigis.ru, https://orcid.org/0009-0001-8712-6073

[3] bvrom@rambler.ru, https://orcid.org/0000-0002-7559-1445

[4] uspenskii@vniigis.ru, https://orcid.org/0000-0001-9115-9890

Abstract

The purpose of the research is to study the taxonomic affiliation and haplotypic diversity of trichinella isolates circulating in the Voronezh Nature Reserve and adjacent territories of the Central Chernozem region using modern molecular genetic methods and data from the International Information Database (NCBI).

Materials and methods. The larvae of *Trichinella nativa* isolated from frozen muscle tissue of wild and domestic animals were used as the studied material. The material was collected from those who died in the Voronezh Nature Reserve and in adjacent territories during regulatory measures and regulated hunting, as a result of poaching and those who died on highways. Muscle tissue samples from wild and domestic predatory mammals with diagnosed trichinella infestation were also used, recorded in 70% ethanol and 10% formalin. Native DNA was isolated from the obtained larvae, followed by Multiplex PCR (MT PCR) for primary species identification. The native DNA samples identified by MT PCR were amplified with primers 37F_Tri and 42R_Tri to study the mt DNA fragment of cytochrome C oxidase subunit 1 (*cox1*). The obtained amplicons were sequenced by Sanger and deposited in the GenBank NCBI international database.

Results and discussion. The presented results of molecular genetic studies confirm the previously presented data on the taxonomic affiliation of Trichinella – *T. nativa* (Romashov et al., 2006). Bioinformatics analysis of four deposited nucleotide sequences showed the presence of three single-nucleotide substitutions in the cox1 gene region of *T. nativa*. The two substitutions are synonymous and do not affect the process of transcription and subsequent translation, since in both cases the same amino acid, valine, is encoded. However, there is a single nucleotide substitution at position 67 in *T. nativa* (a sample from a common lynx, GenBank №PX624076) leads to the encoding of another amino acid, methionine, which can significantly affect protein biosynthesis and, as a result, alter the physiological properties of the parasite.

Keywords: trichinellosis, *Trichinella nativa*, multiplex PCR, *cox1* gene, single nucleotide substitution.

Conflict of interest. The authors declare that there is no conflict of interest.

For citation: Odoevskaya I. M., Pimenov I. A., Romashov B. V., Uspensky A. V. Molecular and genetic features of trichinella isolates of the Central Chernozem region. *Rossiyskiy parazitologicheskiy zhurnal = Russian Journal of Parasitology*. 2026;20(1):88–96. (In Russ.).

https://doi.org/10.31016/1998-8435-2026-20-1-88-96

© Odoevskaya I. M., Pimenov I. A., Romashov B. V., Uspensky A. V., 2026

Введение

Трихинеллез широко распространен в мире; данная инвазия зарегистрирована более чем у 150 видов позвоночных животных практически на всех континентах земного шара, кроме Антарктиды [2]. В популяциях животных-хозяев устойчивую циркуляцию трихинеллеза поддерживают, прежде всего, такие трофико-хорологические факторы как хищничество, некрофагия и каннибализм [6, 12].

Согласно современным данным, утверждённым Международной Комиссией по трихинеллёзу (ISS), род *Trichinella* разделяется на две филогенетические линии (группы) на ос-

нове способности (или неспособности) гельминта индуцировать организм животного-хозяина трихинелл к выработке вокруг личинки защитной коллагеновой капсулы [2, 5, 6, 7]. К группе капсулообразующих видов трихинелл (подрод *Trichinella* Ralliet, 1895) относятся 7 видов: *Trichinella spiralis* (T1), *T. nativa* (T2), *T. britovi* (T3), *T. murelli* (T5), *T. nelsoni* (T7), *T. patagoniensis* (T12) и *T. chanchalensis* (T13) [4, 10, 12]. Кроме того, к этой группе относятся ещё три генотипа трихинелл, способных к капсулообразованию – T6, T8, T9, но они до сих пор не имеют доказанного таксономического статуса и поэтому каждый генотип включён в состав определённого вида. В частности, генотип T6 близок к виду *T. nativa* (T2), генотип T8 близок к виду *T. britovi* (T3), а генотип T9 – к виду *T. murelli* (T5) [6].

Ко второй филогенетической линии *Trichinella* Garkavi, 1972 относятся три вида трихинелл, не способных индуцировать в организме хозяина образование защитной капсулы вокруг личинки. Нематоды вида *T. pseudospiralis* (T4) способны паразитировать не только у млекопитающих, но и у птиц; а виды *T. papuae* (T10) и *T. zimbabwensis* (T11) могут паразитировать как у млекопитающих и птиц, так и у рептилий [5, 6, 12].

Приведенные данные показывают, что тканевые гельминты рода *Trichinella* являются распространенной группой паразитических нематод, занимающих различные ареалы практически во всех климатических зонах земного шара. Плотоядные и всеядные животные, преимущественно млекопитающие, а также хищные птицы служат основными хозяевами и резервентами нематод рода *Trichinella*.

С эколого-эпидемической точки зрения принято различать природные и синантропные очаги трихинеллёза. На территории РФ из 13 таксонов трихинелл, выявленных в мире, четыре (T1, T2, T3 и T4) циркулируют в формате эпидемических очагов, причём как в природных биоценозах, так и на урбанизированных территориях [8, 9].

Исходя из вышесказанного, целью настоящих исследований стало изучение таксономической принадлежности и гаплотипического разнообразия трихинелл, циркулирующих в природных условиях Центрального Черноземья – в Воронежском заповеднике и на смежных территориях, с использованием современных молекулярно-генетических методов и международной информационной базы данных (NCBI).

Материалы и методы

В качестве исследуемого материала использовали фрагменты свежей, замороженной и зафиксированной в 70%-ном этаноле и 10%-ном формалине мышечной ткани животных с диагностированной инвазией личинками *Trichinella*, собранные в Воронежском заповеднике и на сопредельных природных территориях за более чем 30-летний период (1990–2025 гг.).

Биопробы были собраны от погибших диких и домашних млекопитающих. Причинами гибели преимущественно являлись антропогенные факторы, такие как регламентированная охота и регулирование численности, столкновение с автотранспортом на дорогах и браконьерство. Дополнительно исследованные пробы мышечной ткани от диких и домашних хищных млекопитающих с диагностированной инвазией трихинеллами, зафиксированные в 70%-ном этаноле и 10%-ном формалине, были предоставлены из гельминтологической коллекции Воронежского заповедника.

Пробы мышечной ткани исследовали классическими методами: компрессорной трихинеллоскопией и перевариванием в искусственном желудочном соке (ИЖС), а фиксированные коллекционные образцы мышечной ткани предварительно инкубировали при t = 4 °C в течение суток в физиологическом растворе для удаления примесей, ингибирующих работу ферментов (пепсина, протеиназы К). Изолированных личинок осаждали в воронках Бермана, тщательно отмывали физиологическим раствором, затем замораживали при t = -18 °C до начала исследований. После размораживания из каждой пробы отбирали личинок первой стадии (L1) в пробирки типа Eppendorf.

Выделение геномной ДНК проводили по протоколу фирмы-производителя набора «Синтол» (ДНК-экстран-2) (Москва). Мультиплексную ПЦР осуществляли согласно Рекомендациям Международной Комиссии по трихинеллёзу (International Commission on

Trichinellosis: Recommendations for genotyping *Trichinella* muscle stage larvae, 2019) [7].

Концентрацию выделенной ДНК определяли настольным флуориметром Qubit 3.0 с использованием стандартного набора реактивов фирмы Invitrogen.

Для определения видовой принадлежности исследуемых изолятов трихинелл применяли Мультиплексную ПЦР с использованием праймеров следующего дизайна [11, 12]:

cp-I.F 5'-GTT.CCA.TGT.GAA.CAG.CAG.T-3'

cp-I.R 5'-CGA.AAA.CAT.ACG.ACA.ACT.GC-3'

cp-II.F 5'-GCT.ACA.TCC.TTT.TGA.TCT.GTT-3'

cp-II.R 5'-AGA.CAC.AAT.ATC.AAC.CAC.AGT.ACA-3'

cp-III.F 5'-GCG.GAA.GGA.TCA.TTA.TCG.TGT.A-3'

cp-III.R 5'-TGG.ATT.ACA.AAG.AAA.ACC.ATC.ACT-3'

Мультиплексную ПЦР (МТ-ПЦР) проводили по следующему протоколу: в эппендорфы объёмом 0,2 мл из набора реактивов фирмы «Евроген» Encyclo Plus PCR kit, содержащие 10X Encyclo buffer – 2,5 мкл, dNTP mix – 0,5 мкл, 50X Encyclo palimerase Mix – 0,5 мкл, H2O – 19,6 мкл, вносили по 1,4 мкл раствора исследуемой ДНК, по 0,33 мкл каждого праймера. В качестве положительных и отрицательных контролей реакции использовали ДНК эталонных штаммов трихинелл. Пробирки сразу же помещали в термоциклер фирмы Bio Rad T100 и запускали следующую программу амплификации: предварительная денатурация при t = 96 °C – 5 минут; денатурация при 95 °C – 30 с; отжиг праймеров при 56 °C – 2 минуты; элонгация цепи при 72 °C – 1 минута; число циклов – 40; заключительная элонгация при 72 °C – 5 минут. Для дальнейших исследований отбирали только «работающие» в МТ-ПЦР пробы геномных ДНК и готовили их к проведению секвенирования (по Сэнгеру) с последующим депонированием в международной базе данных GenBank NCBI.

Протокол подготовительной ПЦР для изучения фрагмента ДНК цитохром-С-оксидазы субъединицы 1 (*cox1*) соответствовал описанному ранее (Odoyevskaya, Spiridonov, 2016) [3] и предполагал использование праймеров:

37F_Tri GCA GTA AAT TTA GAA TTT AAA C

42R_Tri CCT AAT ATT CAT GGT GTT CAT A

В результате получали амплифицированный участок митохондриальной ДНК (включающий участок гена *cox1* mtDNA) длиной 1370 н.п. Затем с помощью электрофореза в 0,8%-ном агарозном геле полученные ПЦР продукты элюировали и очищали с использованием набора Cleanup Mini («Евроген», Москва). Амплифицированные фрагменты ДНК передавали на «прямое» секвенирование в ЦКП «Геном» при Институте молекулярной биологии имени В. А. Энгельгардта РАН. Хроматограммы анализировали в программе Chromas 2.6.6, далее с применением алгоритма BLASTN 2.13.0+ проводили поиск филогенетически близких последовательностей изолятов Trichinella. Выравнивания конвертировали и обрезали в программе Seaview. Полученные митохондриальные последовательности изученных трихинелл были депонированы в NCBI GenBank.

Результаты и обсуждение

Природно-очаговый трихинеллез широко распространен в Центрально-Черноземной зоне России. Данный регион расположен в лесостепной зоне, где островные леса сочетаются с открытыми пространствами, что обеспечивает высокое биоразнообразие фауны и наличие условий для активного распространения трихинеллеза. Экологическая циркуляция *Trichinella* spp. основана на межвидовых и внутривидовых трофических связях носителей инвазии, ведущими формами которых служат хищничество, некрофагия и каннибализм [2, 5, 6, 9]. Наряду с этим, релевантным источником заражения, как показывают исследования, могут быть и другие животные, например, насекомые (хищные жуки) и насекомоядные млекопитающие (еж) [1, 8].

За более чем 30-летний период в Воронежском заповеднике и на сопредельных территориях исследованию на трихинеллез было подвергнуто свыше 200 особей хищных млекопитающих. Личинки трихинелл обнаружены у 10 видов животных, в том числе 7 видов диких хищников: рыси обыкновенной, лисицы, енотовидной собаки, волка, барсука, лесной и каменной куниц, у 1 вида насекомоядных (ежа) и у 2 видов домашних плотоядных (кошки и собаки) [1, 8].

Интересным является факт обнаружения трихинелл у рыси обыкновенной в 2025 г. Рысь появилась в заповеднике в 2019 г. и за ней вели постоянное наблюдение при помощи фотоловушек. В январе 2025 г. она погибла. По результатам гельминтологических исследований в мышцах были обнаружены инкапсулированные личинки трихинелл, интенсивность инвазии которых составила 2 лич/г. Морфологические особенности капсул трихинелл указывали на недавнее, в пределах последних двух лет, заражение рыси, что свидетельствует об эндемичном происхождении возбудителя инвазии. Морфологические и молекулярно-генетические исследования подтвердили принадлежность трихинелл к виду *T. nativa* (Britov & Boev, 1972). Результаты исследований с целью таксономической идентификации «воронежских» изолятов трихинелл с применением морфометрических и молекулярно-генетических методов исследований приведены в таблице 1.

Таблица 1

Таксономическая идентификация трихинелл, выделенных из проб мышечной ткани от диких млекопитающих, обитающих в Воронежском заповеднике и на сопредельных территориях

Table 1

Taxonomic identification of *Trichinella* spp. isolated from muscle tissue samples of wild mammals inhabiting the Voronezh Nature Reserve and adjacent territories

Вид животного-хозяина	Вид (по Б. В. Ромашову)	Исследуемый образец	Условия хранения образца	МТ ПЦР, размер фрагмента	GenBank NCBI, №
Лисица обыкновенная (*Vulpes vulpes*)	*T. nativa*	Личинки L1	Этанол, 70%	Отрицат.	Отрицат.
Лисица обыкновенная	*T. nativa*	Мышечная ткань	Заморозка, t = –18 °C	127 н.п.	KU355859
Лисица обыкновенная	*T. nativa*	Личинки L1	Формалин, 10%	Отрицат.	Отрицат.
Куница лесная (*Martes martes*)	*T. nativa*	Личинки L1	Формалин, 10%	Отрицат.	Отрицат.
Куница лесная	*T. nativa*	Личинки L1	Формалин, 10%	Отрицат.	Отрицат.
Кошка домашняя (*Felis catus*)	*T. nativa*	Мышечная ткань	Заморозка, t = –18 °C	127 н.п.	KU355860
Собака енотовидная (*Nyctereutes procyonoides*)	*T. nativa*	Личинки L1	Формалин, 10%	Отрицат.	Отрицат.
Волк (*Canis lupus*)	*T. nativa*	Личинки L1	Формалин, 10%	Отрицат.	Отрицат.
Ёж белогрудый (*Erinaceus roumanicus*)	*T. nativa*	Мышечная ткань	Заморозка t = –18 °C	127 н.п.	KU355853
Рысь обыкновенная (*Lynx lynx*)	*T. nativa*	Мышечная ткань	Заморозка t = –18 °C	127 н.п.	PX624076
Барсук обыкновенный (*Meles meles*)	*T. nativa*	Мышечная ткань	Заморозка, t = –18 °C	Отрицат.	Отрицат.
Куница каменная (*Martes foina*)	*T. nativa*	Мышечная ткань	Заморозка, t = –18 °C	Отрицат.	Отрицат.

Изучение молекулярно-таксономических особенностей нематод рода *Trichinella*, направленных на выявление внутривидовых различий, описание генетического разнообразия тканевых гельминтов, циркулирующих в эпидемических очагах на различных территориях, является приоритетным направлением во всём мире [2, 7, 11]. В частности, ВОЗ рекомендует широкое использование МТ-ПЦР – метода, основанного на частичной амлификации ITS1 и ITS2 участков транскрибируемых спейсеров и сегмента V последовательности 28S рибосомальной РНК [11, 12]. Использование в реакции одновременно нескольких пар праймеров позволяет обнаруживать наличие смешанной инвазии, что бывает необходимо для выявления спонтанного заражения животного двумя и даже тремя видами трихинелл [4–6, 10]. Установление видовой принадлежности трихинелл при использовании МТ-ПЦР осуществляется при визуализации ампликонов в агарозном геле, окрашенном бромистым этидием

на основании размера получаемых фрагментов ДНК. Данный метод не позволяет выявить уникальные нуклеотидные последовательности и оценить гаплотипическое разнообразие нематод в эпидемическом очаге трихинеллёза [6, 7, 11]. Однако, выявление внутривидовых группировок важно для понимания циркуляции инвазии в природе [2, 3, 9].

Для решения данной задачи было проведено выделение геномной ДНК из личинок трихинелл, изолированных из мышечной ткани 12 животных. При проведении МТ-ПЦР положительные результаты удалось получить лишь из 4 проб ДНК. Были получены амплифицированные фрагменты ДНК размером 127 н.п., что подтверждает принадлежность исследуемых изолятов к нематодам вида *T. nativa* (T2) [2, 7, 11, 12]. Отрицательные результаты МТ-ПЦР с ДНК остальных проб, вероятно, связаны с длительным хранением образцов мышечной ткани и изолированных личинок трихинелл в фиксирующих жидкостях (табл. 1).

Изучение гаплотипического разнообразия изолятов *T. nativa*, циркулирующих в Воронежском заповеднике и на сопредельных территориях, проводили после секвенирования фрагмента ДНК цитохром-С-оксидазы субъединицы 1 по Сэнгеру. Для этого из ДНК проб с подтвержденной ранее МТ-ПЦР таксономической принадлежностью к генотипу (T2) были получены фрагменты митохондриальной ДНК, включающие участки гена *cox1* mtDNA длиной 1370 н.п. [3].

Биоинформационный анализ нуклеотидных последовательностей на основе данных международной базы NCBI GenBank выявил у исследуемых нами изолятов *T. nativa* наличие трех однонуклеотидных замен в участке гена *cox1*. Относительно депонированной последовательности PX624076 (проба от рыси обыкновенной) замены установлены в нуклеотидных позициях 67, 206 и 396.

В позиции 67 нуклеотида у *T. nativa* (проба от рыси обыкновенной, GenBank №PX624076) присутствует не синонимичная замена гуанина (G) на аденин (A) (рис. 1), приводящая к кодированию иной аминокислоты. Поскольку в митохондриях большинства беспозвоночных животных метионин определяется двумя триплетами: универсальным ATG и дополнительным изолейциновым кодоном ATA [1], то данная однонуклеотидная замена привела к кодированию метионина вместо, присутствующего у остальных нематод, валина. Поскольку метионин в присутствии факторов инициации трансляции является началом синтеза белка, то он может влиять на физиологические и инвазионные свойства данного тканевого гельминта.

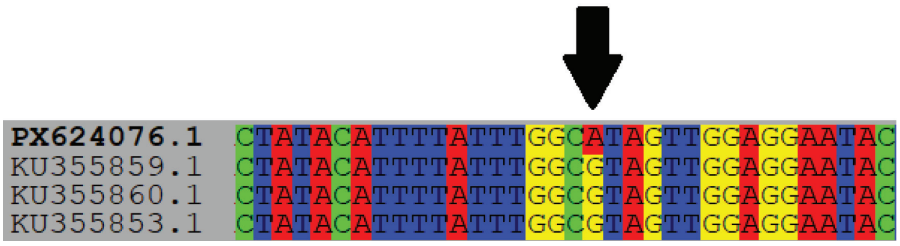

Рис. 1. Несинонимичная однонуклеотидная замена в участке гена *cox1* у *T. nativa,* выделенной из мышц рыси обыкновенной (GenBank №PX624076) (позиция 67 указана относительно депонированной последовательности PX624076)

Fig. 1. Non-synonymous single nucleotide substitution in the *cox1* gene fragment of *T. nativa* isolated from Eurasian lynx muscle (GenBank accession no. PX624076) (position 67 is indicated relative to the deposited sequence PX624076)

В позиции 206 нуклеотида присутствует однонуклеотидная замена гуанина (G) на аденин (A) (рис. 2). Нуклеотидные последовательности, полученные от *T. nativa*, выделенных из мышц рыси обыкновенной (GenBank №PX624076) и ежа обыкновенного (GenBank № KU355853), имеют в данной позиции гуанин, а у нематод, выделенных из мышц ли-

1 Бессолицына Е. А. Спецглавы биохимии конспект лекций модуль 1 «Реализация генетической информации»: учебно-методическое пособие. Киров, 2011. 106 с.

сицы обыкновенной (GenBank № KU355859) и кошки домашней (GenBank № KU355860), – аденин. Поскольку данная однонуклеотидная замена является синонимичной, то она не влияет на процесс транскрипции и, следовательно, на процесс последующей трансляции, поскольку в обоих случаях кодируется одна и та же аминокислота – валин.

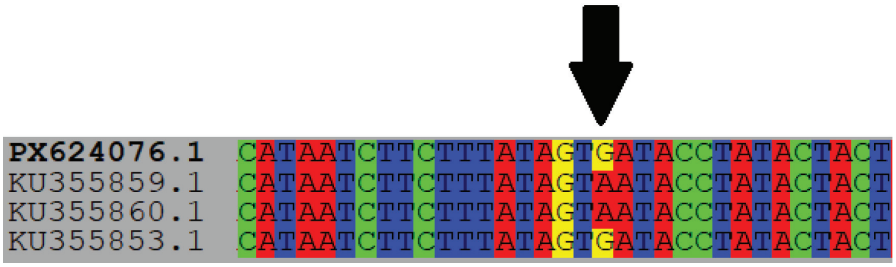

Рис. 2. Синонимичные однонуклеотидные замены в участке гена *cox1* у исследуемых изолятов *T. nativa* в позиции 206 (позиция 206 указана относительно депонированной последовательности PX624076)

Fig. 2. Synonymous single nucleotide substitutions in the *cox1* gene fragment in the studied *T. nativa* isolates at position 206 (position 206 is indicated relative to the deposited sequence PX624076)

Еще одна однонуклеотидная замена отмечена в позиции 396 участка гена *cox1*, где может находиться как цитозин (C), так и тимин (T) (рис. 3). Аналогично 206 позиции, данная замена является синонимичной и находится в триплете, кодирующем пролин. Однако, необходимо отметить, что однонуклеотидные замены 396 позиции были отмечены у тех же изолятов *T. nativa*, у которых были обнаружены замены в позиции 206 (*T. nativa*, выделенная из мышц лисицы обыкновенной (GenBank № KU355859) и кошки домашней (GenBank № KU355860)), что может свидетельствовать о родственных связях трихинелл вышеперечисленных изолятов, обнаруженных на территории Воронежского биосферного заповедника [2, 5].

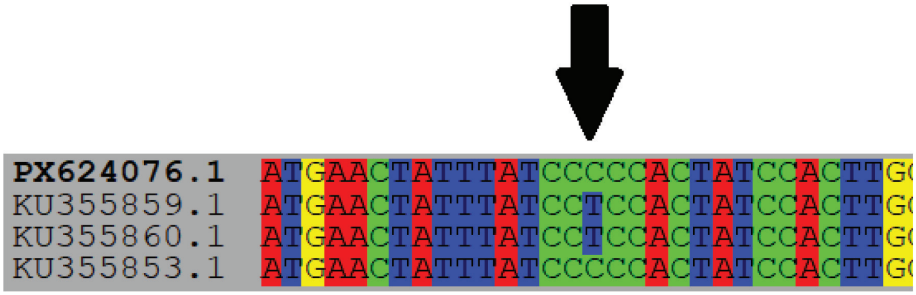

Рис. 3. Синонимичные однонуклеотидные замены в участке гена *cox1* у исследуемых изолятов *T. nativa* в позиции 396 (позиция 396 указана относительно депонированной последовательности PX624076)

Fig. 3. Synonymous single nucleotide substitutions in the *cox1* gene fragment in the studied *T. nativa* isolates at position 396 (position 396 is indicated relative to the deposited sequence PX624076)

Результаты приведенных молекулярно-генетических исследований полностью сопоставимы с выводами о таксономической принадлежности трихинелл от диких и домашних хищных млекопитающих к виду *T. nativa* в природных условиях Центрального Черноземья на основе изучения морфологических и морфометрических особенностей капсул и личинок в природных условиях [3, 8, 9]. Активная циркуляция трихинеллеза в Централь-

но-Черноземном регионе России со сменой животных-хозяев способствует постоянному обмену генетическим материалом внутри популяции возбудителя, приводя к формированию гаплотипического разнообразия [1, 8]. Анализ гаплотипического разнообразия эпидемически значимых популяций паразитических нематод необходимо учитывать при разработке экологических моделей циркуляции возбудителя трихинеллеза в различных регионах Российской Федерации [5].

Заключение

Секвенирование участков ДНК изучаемых изолятов трихинелл по Сэнгеру с последующим депонированием в международной базе данных GenBank NCBI позволило дополнить научные данные по гаплотипическому разнообразию изолятов *T. nativa*, циркулирующих на территории Центрально-Черноземного региона России. Проведенный анализ показал наличие трех однонуклеотидных замен в участке гена *cox1*. Две замены в позициях 206 и 396 являются синонимичными и не влияют на процесс транскрипции и последующей трансляции, поскольку в обоих случаях кодируется одна и та же аминокислота – валин. Однако, однонуклеотидная замена в позиции 67 у *T. nativa* (проба от рыси обыкновенной, GenBank №PX624076) является не синонимичной и приводит к кодированию иной аминокислоты – метионина. Данная мутация в гене *cox1* может существенно влиять на биосинтез белков организма, поскольку метионин в присутствии факторов инициации трансляции является началом синтеза белка, что, соответственно, может влиять на физиологические и инвазионные свойства данного тканевого гельминта. Изучение гаплотипического разнообразия природных популяций *T. nativa* является основой эпидемической географии трихинеллёза и позволяет выявлять «завозные» случаи данной инвазии на территории Российской Федерации.

Список источников (References)

1. Ромашов Б. В., Василенко В. В., Рогов М. В. Трихинеллез в Центральном Черноземье (Воронежская область): экология и биология трихинелл, эпизоотология, профилактика и мониторинг трихинеллеза. Воронеж: Воронежский государственный университет, 2006. 181 с.
2. Korhonen P., Pozio E., Rosa G., Chang B., Koehler A., Hoberg E., Boag P., Tan P., Jex A., Hofmann A., Sternberg P., Young N., Gasser R. Phylogenomic and biogeographic reconstruction of the Trichinella complex. *Nature Communications*, 7, 2016; 10513. https://doi.org/10.1038/ncomms10513
3. Odoevskaya I. M., Spiridonov S. E. Trichinella nativa haplotypes in Russia show diversity in cytochrome oxidase mtdna gene. *Veterinary Parasitology.* 2016; 231: 39-42. https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2016.08.012
4. Owsiacki R., Buhler K. J., Sharma R., Branigan M., Fenton H., Tomaselli M., Kafle P., Lobanov V. A., Bouchard E., Jenkins E. Trichinella nativa and Trichinella T6 in arctic foxes (Vulpes lagopus) from northern Canada. *International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife.* 2020; 13: 269–274. https://doi.org/10.1016/j.ijppaw.2020.11.006
5. Pozio E., Hoberg E., La Rosa G., Zarlenga D. S. Molecular taxonomy, phylogeny and biogeography of nematodes belonging to the Trichinella genus. *Infection, Genetics and Evolution*. 2009; 9 (4): 606–616. https://doi.org/10.1016/j.meegid.2009.03.003
6. Pozio E., Murrell K. D. Systematics and epidemiology of Trichinella. In J. R. Baker, R. Muller, D. Rollinson (Eds.). *Advances in parasitology.* 2006; 63: 367–439. https://doi.org/10.1016/S0065-308X(06)63005-4
7. Pozio E., Zarlenga D. International Commission on Trichinellosis: Recommendations for genotyping Trichinella muscle stage larvae. *Food Waterborne Parasitology.* 2019; 10. 15: e00033. https://doi.org/10.1016/j.fawpar.2018.e00033
8. Romashov B. V., Odoevskaya I. M., Romashova N. B., Golubova N. A. Ecology of trichinellosis transmission in the Voronezh state nature reserve and adjacent areas, Russia. *Nature Conservation Research.* 2021; 6 (2): 1-15. https://doi.org/10.24189/ncr.2021.023
9. Seryodkin I., Odoyevskaya I., Konyaev S., Spiridonov S. Trichinella infection of wild carnivorans in Primorsky Krai, Russian Far East. *Nature Conservation Research*. 2020; 5: 31–40. https://doi.org/10.24189/ncr.2020.040
10. Sharma R., Harms N. J., Kukka P. M., Jung T. S., Parker S. E., Ross S., Thompson P., Rosenthal B., Hoberg E. P., Jenkins E. J. High prevalence, intensity, and genetic diversity of Trichinella spp. in wolverine (Gulo gulo) from Yukon, Canada. *Parasites & Vectors*. 2021; 14 (1): 146. https://doi.org/10.1186/s13071-021-04636-2
11. Zarlenga D. S., Chute M. B., Martin A., Kapel C. M. O. A multiplex PCR for unequivocal differentiation of

all encapsulated and non-encapsulated genotypes of Trichinella. *International Journal for Parasitology.* 1999; 29 (11): 1859–1867. https://doi.org/10.1016/S0020-7519(99)00107-1

12. Zarlenga D., Thompson P., Pozio E. Trichinella species and genotypes. *Research in Veterinary Science.* 2020; 133: 289–296. https://doi.org/10.1016/j.rvsc.2020.08.012

Статья поступила в редакцию 28.10.25; одобрена после рецензирования 25.11.25; принята к публикации 09.02.26

Об авторах:

Одоевская Ирина Михайловна, кандидат биологических наук, зав. лабораторией иммунологии и молекулярных исследований; SPIN-код: 4024-3272, Researcher ID: B-1947-2017, Scopus ID: 24470255200

Пименов Илья Александрович, младший научный сотрудник лаборатории иммунологии и молекулярных исследований; SPIN-код: 5372-4077

Ромашов Борис Витальевич, доктор биологических наук, главный научный сотрудник; SPIN-код: 5699-7828, Scopus ID: 56633864100

Успенский Александр Витальевич, доктор ветеринарных наук, профессор, член-корреспондент РАН, зав. лабораторией паразитарных зоонозов; SPIN-код: 2283-2497, Researcher ID: Q-2754-2019, Scopus ID: 57195472164

Вклад авторов:

Одоевская И. М. – научное руководство, разработка дизайна исследований, ресурсное обеспечение НИР, подбор праймеров, анализ и интерпретация полученных результатов, компьютерный анализ депонированных нуклеотидных последовательностей, обзор литературы, подготовка рукописи.

Пименов И. А. – выделение личинок трихинелл, выделение ДНК, постановка МТ ПЦР, очистка ампликонов для секвенирования, депонирование полученных ампликонов в базе данных GenBank NCBI, компьютерный анализ депонированных нуклеотидных последовательностей, подготовка статьи.

Ромашов Б. В. – гельминтологическое вскрытие, предоставление гельминтологического материала, морфологическая идентификация трихинелл, подготовка статьи.

Успенский А. В. – ресурсное обеспечение НИР, критический анализ и интерпретация полученных данных, оформление рукописи.

Авторы прочитали и одобрили окончательный вариант рукописи.

The article was submitted 28.10.2025; approved after reviewing 25.11.2025; accepted for publication 09.02.2026

About the authors:

Odoevskaya Irina M., candidate of biological sciences, head of laboratory of immunology and molecular research; SPIN: 4024-3272, Researcher ID: B-1947-2017, Scopus ID: 24470255200

Pimenov Ilya A., junior researcher at the laboratory of immunology and molecular research; SPIN: 5372-4077

Romashov Boris V., doctor of biological sciences, chief researcher; SPIN: 5699-7828, Scopus ID: 56633864100

Uspensky Alexander V., doctor of veterinary sciences, professor, corresponding member of the Russian Academy of Sciences, head of the laboratory of parasitic zoonoses; SPIN: 2283-2497, Researcher ID: Q-2754-2019, Scopus ID: 57195472164

Contribution of the authors:

Odoevskaya I. M. – scientific guidance, research design development, research resources, selection of primers, analysis and interpretation of the results, computer analysis of deposited nucleotide sequences, literature review, preparation of the manuscript.

Pimenov I. A. – isolation of trichinella larvae, DNA isolation, MT PCR, purification of amplicons for sequencing, deposition of the obtained amplicons in the GenBank NCBI database, computer analysis of deposited nucleotide sequences, preparation of the article.

Romashov B. V. – helminthological autopsy, provision of helminthological material, taxonomic identification of trichinella, preparation of the article.

Uspensky A. V. – resource support for research, critical analysis and interpretation of the data obtained, design of the manuscript.

All authors have read and approved the final manuscript.